

SEQUENCE LISTING

<110> Kufer Dr, Peter

<120> A novel method of identifying binding site domains that
retain the capacity of binding to an epitope

<130> B 3077 PCT

<150> EP 97 12 0096.9

<151> 1997-11-17

<160> 75

<170> PatentIn Ver. 2.0

<210> 1

<211> 33

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> synthetic oligonucleotide

<400> 1

gcagaattca ccatgggccca cacacggagg cag

33

<210> 2

<211> 34

<212> DNA

$\langle 220 \rangle$

<400> 2

34

<210> 3

<211> 36

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> synthetic oligonucleotide

<400> 3

aggtgtacac tccgatatcm arctgcagsa gtcwgg

36

<210> 4

<211> 37

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

 $\langle 220 \rangle$

<223> synthetic oligonucleotide

<400> 4

aggtgtacac tccgatatcc agctgaccca gtctcca

37

項目	1990年	1991年	1992年	1993年	1994年	1995年	1996年	1997年	1998年	1999年	2000年	2001年	2002年	2003年	2004年	2005年	2006年	2007年	2008年	2009年	2010年	2011年	2012年	2013年	2014年	2015年	2016年	2017年	2018年	2019年	2020年	2021年	2022年	2023年	2024年	2025年	2026年	2027年	2028年	2029年	2030年	2031年	2032年	2033年	2034年	2035年	2036年	2037年	2038年	2039年	2040年	2041年	2042年	2043年	2044年	2045年	2046年	2047年	2048年	2049年	2050年	2051年	2052年	2053年	2054年	2055年	2056年	2057年	2058年	2059年	2060年	2061年	2062年	2063年	2064年	2065年	2066年	2067年	2068年	2069年	2070年	2071年	2072年	2073年	2074年	2075年	2076年	2077年	2078年	2079年	2080年	2081年	2082年	2083年	2084年	2085年	2086年	2087年	2088年	2089年	2090年	2091年	2092年	2093年	2094年	2095年	2096年	2097年	2098年	2099年	2100年																																																								
人口	120,000,000	121,000,000	122,000,000	123,000,000	124,000,000	125,000,000	126,000,000	127,000,000	128,000,000	129,000,000	130,000,000	131,000,000	132,000,000	133,000,000	134,000,000	135,000,000	136,000,000	137,000,000	138,000,000	139,000,000	140,000,000	141,000,000	142,000,000	143,000,000	144,000,000	145,000,000	146,000,000	147,000,000	148,000,000	149,000,000	150,000,000	151,000,000	152,000,000	153,000,000	154,000,000	155,000,000	156,000,000	157,000,000	158,000,000	159,000,000	160,000,000	161,000,000	162,000,000	163,000,000	164,000,000	165,000,000	166,000,000	167,000,000	168,000,000	169,000,000	170,000,000	171,000,000	172,000,000	173,000,000	174,000,000	175,000,000	176,000,000	177,000,000	178,000,000	179,000,000	180,000,000	181,000,000	182,000,000	183,000,000	184,000,000	185,000,000	186,000,000	187,000,000	188,000,000	189,000,000	190,000,000	191,000,000	192,000,000	193,000,000	194,000,000	195,000,000	196,000,000	197,000,000	198,000,000	199,000,000	200,000,000	201,000,000	202,000,000	203,000,000	204,000,000	205,000,000	206,000,000	207,000,000	208,000,000	209,000,000	210,000,000	211,000,000	212,000,000	213,000,000	214,000,000	215,000,000	216,000,000	217,000,000	218,000,000	219,000,000	220,000,000	221,000,000	222,000,000	223,000,000	224,000,000	225,000,000	226,000,000	227,000,000	228,000,000	229,000,000	230,000,000	231,000,000	232,000,000	233,000,000	234,000,000	235,000,000	236,000,000	237,000,000	238,000,000	239,000,000	240,000,000	241,000,000	242,000,000	243,000,000	244,000,000	245,000,000	246,000,000	247,000,000	248,000,000	249,000,000	250,000,000	251,000,000	252,000,000	253,000,000	254,000,000	255,000,000	256,000,000	257,000,000	258,000,000	259,000,000	260,000,000	261,000,000	262,000,000	263,000,000	264,000,000	265,000,000	266,000,000	267,000,000	268,000,000	269,000,000	270,000,000	271,000,000	272,000,000	273,000,000	274,000,000	275,000,000	276,000,000	277,000,000	278,000,000	279,000,000	280,000,000	281,000,000	282,000,000	283,000,000	284,000,000	285,000,000	286,000,000

<400> 7

[illegible]

39

<211> 69

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> synthetic oligonucleotide

<400> 8

tccgatatcm arctgcagsa gtcwggacct gagctggtga agcctggggc ttcagtgaag 60
atttcctgc 69

<210> 9

<211> 64

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> synthetic oligonucleotide

<400> 9

ggagccgccc cgcgcagaac caccaccacc tgaggagacg gtgaccgtgg tcccttggcc 60
ccag 64

<210> 10

<211> 54

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

[illegible]

<220>

<223> synthetic oligonucleotide

<400> 10

ggcggcggcg gctccggtgg tgggtggttct gacattcagc tgacccagtc tcca 54

<210> 11

<211> 29

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> synthetic oligonucleotide

<400> 11

aatccggatt tgatctcgag cttggtccc 29

<210> 12

<211> 22

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> synthetic oligonucleotide

<400> 12

aggtgcagct gctcgagtct gg 22

<210> 13

<211> 17

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<400> 13

ctgaggagac ggtgacc

17

<210> 14

<211> 38

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

 $\langle 220 \rangle$

<223> synthetic oligonucleotide

<400> 14

gagccgcacg agcccgagct cgtgwtgacr cagtctcc

38

<210> 15

<211> 33

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<400> 15

gaagacacta gttgcagcca ccgtacgttt rat

33

<210> 16

<211> 24

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

24

24

47

[illegible]

<211> 55

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> synthetic oligonucleotide

<400> 19

tcgagcagct gcacctcgga tccaccacct ccggatttgt cgaccagctg cagct 55

<210> 20

<211> 79

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> synthetic oligonucleotide

<400> 20

tcgagcccggtcaccgtctcctcaggtggtggtggttctggcggcgccgctccggtggt 60
ggtggttctgagctcgga 79

<210> 21

<211> 79

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> synthetic oligonucleotide

Sequence: 1-79

<400> 21

ctagtcccga gctcagaacc accaccaccg gagccgcccgc cgccagaacc accaccacct 60

gaggagacgg tgaccgggc 79

<210> 22

<211> 29

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> synthetic oligonucleotide

<400> 22

ggtgtcgaca ctaaacctcc tgagtacgg 29

<210> 23

<211> 30

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> synthetic oligonucleotide

<400> 23

gcctccggaa gcattgacag gaggttgagg 30

<210> 24

<211> 33

<212> DNA

Variable	Mean	SD	Min	Max	Median	Mode	Skewness	Kurtosis	Shapiro-Wilk	Normality
Age	35.2	12.5	18	65	32	30	0.15	2.10	0.98	Normal
Gender	1.2	0.4	1	2	1	1	0.05	0.10	0.99	Normal
Marital Status	1.5	0.5	1	3	1	1	0.10	0.20	0.99	Normal
Education	12.5	2.0	8	16	12	12	0.05	0.10	0.99	Normal
Income	1500	500	500	3000	1200	1000	0.10	0.20	0.99	Normal
Occupation	1.8	0.6	1	3	1	1	0.05	0.10	0.99	Normal
Health Status	1.2	0.4	1	2	1	1	0.05	0.10	0.99	Normal
Stress Level	2.5	0.8	1	4	2	2	0.10	0.20	0.99	Normal
Life Satisfaction	3.5	1.0	1	5	3	3	0.05	0.10	0.99	Normal
Resilience	2.8	0.9	1	4	2	2	0.10	0.20	0.99	Normal
Emotional Stability	3.2	0.7	1	4	3	3	0.05	0.10	0.99	Normal
Physical Health	3.8	0.6	1	4	3	3	0.05	0.10	0.99	Normal
Mental Health	3.0	0.8	1	4	2	2	0.10	0.20	0.99	Normal
Overall Well-being	3.5	0.9	1	4	3	3	0.05	0.10	0.99	Normal

10/48

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> synthetic oligonucleotide

<400> 24

gcagaattca ccatgggccca cacacggagg cag

33

<210> 25

<211> 39

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> synthetic oligonucleotide

<400> 25

tggtgcacta gtcgtacggt tgatctcaag cttgggtccc

39

<210> 26

<211> 32

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> synthetic oligonucleotide

<400> 26

ctcgaattca ctatggctcc cagcagcccc cg

32

	1980	1981	1982	1983	1984	1985	1986	1987	1988	1989	1990	1991	1992	1993	1994	1995	1996	1997	1998	1999	2000	2001	2002	2003	2004	2005	2006	2007	2008	2009	2010	2011	2012	2013	2014	2015	2016	2017	2018	2019	2020	2021	2022	2023	2024	2025	2026	2027	2028	2029	2030	2031	2032	2033	2034	2035	2036	2037	2038	2039	2040	2041	2042	2043	2044	2045	2046	2047	2048	2049	2050	2051	2052	2053	2054	2055	2056	2057	2058	2059	2060	2061	2062	2063	2064	2065	2066	2067	2068	2069	2070	2071	2072	2073	2074	2075	2076	2077	2078	2079	2080	2081	2082	2083	2084	2085	2086	2087	2088	2089	2090	2091	2092	2093	2094	2095	2096	2097	2098	2099	2100	2101	2102	2103	2104	2105	2106	2107	2108	2109	2110	2111	2112	2113	2114	2115	2116	2117	2118	2119	2120	2121	2122	2123	2124	2125	2126	2127	2128	2129	2130	2131	2132	2133	2134	2135	2136	2137	2138	2139	2140	2141	2142	2143	2144	2145	2146	2147	2148	2149	2150	2151	2152	2153	2154	2155	2156	2157	2158	2159	2160	2161	2162	2163	2164	2165	2166	2167	2168	2169	2170	2171	2172	2173	2174	2175	2176	2177	2178	2179	2180	2181	2182	2183	2184	2185	2186	2187	2188	2189	2190	2191	2192	2193	2194	2195	2196	2197	2198	2199	2200	2201	2202	2203	2204	2205	2206	2207	2208	2209	2210	2211	2212	2213	2214	2215	2216	2217	2218	2219	2220	2221	2222	2223	2224	2225	2226	2227	2228	2229	2230	2231	2232	2233	2234	2235	2236	2237	2238	2239	2240	2241	2242	2243	2244	2245	2246	2247	2248	2249	2250	2251	2252	2253	2254	2255	2256	2257	2258	2259	2260	2261	2262	2263	2264	2265	2266	2267	2268	2269	2270	2271	2272	2273	2274	2275	2276	2277	2278	2279	2280	2281	2282	2283	2284	2285	2286	2287	2288	2289	2290	2291	2292	2293	2294	2295	2296	2297	2298	2299	2300	2301	2302	2303	2304	2305	2306	2307	2308	2309	2310	2311	2312	2313	2314	2315	2316	2317	2318	2319	2320	2321	2322	2323	2324	2325	2326	2327	2328	2329	2330	2331	2332	2333	2334	2335	2336	2337	2338	2339	2340	2341	2342	2343	2344	2345	2346	2347	2348	2349	2350	2351	2352	2353	2354	2355	2356	2357	2358	2359	2360	2361	2362	2363	2364	2365	2366	2367	2368	2369	2370	2371	2372	2373	2374	2375	2376	2377	2378	2379	2380	2381	2382	2383	2384	2385	2386	2387	2388	2389	2390	2391	2392	2393	2394	2395	2396	2397	2398	2399	2400	2401	2402	2403	2404	2405	2406	2407	2408	2409	2410	2411	2412	2413	2414	2415	2416	2417	2418	2419	2420	2421	2422	2423	2424	2425	2426	2427	2428	2429	2430	2431	2432	2
--	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	---

<223> synthetic oligonucleotide

1990年		1991年		1992年		1993年		1994年		1995年		1996年		1997年		1998年		1999年		2000年		2001年		2002年		2003年		2004年		2005年		2006年		2007年		2008年		2009年		2010年		2011年		2012年		2013年		2014年		2015年		2016年		2017年		2018年		2019年		2020年		2021年		2022年		2023年		2024年		2025年		2026年		2027年		2028年		2029年		2030年		2031年		2032年		2033年		2034年		2035年		2036年		2037年		2038年		2039年		2040年		2041年		2042年		2043年		2044年		2045年		2046年		2047年		2048年		2049年		2050年		2051年		2052年		2053年		2054年		2055年		2056年		2057年		2058年		2059年		2060年		2061年		2062年		2063年		2064年		2065年		2066年		2067年		2068年		2069年		2070年		2071年		2072年		2073年		2074年		2075年		2076年		2077年		2078年		2079年		2080年		2081年		2082年		2083年		2084年		2085年		2086年		2087年		2088年		2089年		2090年		2091年		2092年		2093年		2094年		2095年		2096年		2097年		2098年		2099年		2100年	
1990	1991	1992	1993	1994	1995	1996	1997	1998	1999	2000	2001	2002	2003	2004	2005	2006	2007	2008	2009	2010	2011	2012	2013	2014	2015	2016	2017	2018	2019	2020	2021	2022	2023	2024	2025	2026	2027	2028	2029	2030	2031	2032	2033	2034	2035	2036	2037	2038	2039	2040	2041	2042	2043	2044	2045	2046	2047	2048	2049	2050	2051	2052	2053	2054	2055	2056	2057	2058	2059	2060	2061	2062	2063	2064	2065	2066	2067	2068	2069	2070	2071	2072	2073	2074	2075	2076	2077	2078	2079	2080	2081	2082	2083	2084	2085	2086	2087	2088	2089	2090	2091	2092	2093	2094	2095	2096	2097	2098	2099	2100																																																																																																															

1

•

•

•

2

3

3

[illegible]

<220>

<223> synthetic oligonucleotide

<400> 32

saggtgcagc tcgaggagtc aggacct

27

<210> 33

<211> 27

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> synthetic oligonucleotide

<400> 33

gaggtccagc tcgagcagtc tggacct

27

<210> 34

<211> 27

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> synthetic oligonucleotide

<400> 34

caggtccaac tcgagcagcc tggggct

27

<210> 35

006707313

<223> synthetic oligonucleotide

27

<213> Artificial Sequence

<223> synthetic oligonucleotide

27

<213> Artificial Sequence

<223> synthetic oligonucleotide

	1980	1981	1982	1983	1984	1985	1986	1987	1988	1989	1990	1991	1992	1993	1994	1995	1996	1997	1998	1999	2000	2001	2002	2003	2004	2005	2006	2007	2008	2009	2010	2011	2012	2013	2014	2015	2016	2017	2018	2019	2020	2021	2022	2023	2024	2025	2026	2027	2028	2029	2030	2031	2032	2033	2034	2035	2036	2037	2038	2039	2040	2041	2042	2043	2044	2045	2046	2047	2048	2049	2050	2051	2052	2053	2054	2055	2056	2057	2058	2059	2060	2061	2062	2063	2064	2065	2066	2067	2068	2069	2070	2071	2072	2073	2074	2075	2076	2077	2078	2079	2080	2081	2082	2083	2084	2085	2086	2087	2088	2089	2090	2091	2092	2093	2094	2095	2096	2097	2098	2099	2100	2101	2102	2103	2104	2105	2106	2107	2108	2109	2110	2111	2112	2113	2114	2115	2116	2117	2118	2119	2120	2121	2122	2123	2124	2125	2126	2127	2128	2129	2130	2131	2132	2133	2134	2135	2136	2137	2138	2139	2140	2141	2142	2143	2144	2145	2146	2147	2148	2149	2150	2151	2152	2153	2154	2155	2156	2157	2158	2159	2160	2161	2162	2163	2164	2165	2166	2167	2168	2169	2170	2171	2172	2173	2174	2175	2176	2177	2178	2179	2180	2181	2182	2183	2184	2185	2186	2187	2188	2189	2190	2191	2192	2193	2194	2195	2196	2197	2198	2199	2200	2201	2202	2203	2204	2205	2206	2207	2208	2209	2210	2211	2212	2213	2214	2215	2216	2217	2218	2219	2220	2221	2222	2223	2224	2225	2226	2227	2228	2229	2230	2231	2232	2233	2234	2235	2236	2237	2238	2239	2240	2241	2242	2243	2244	2245	2246	2247	2248	2249	2250	2251	2252	2253	2254	2255	2256	2257	2258	2259	2260	2261	2262	2263	2264	2265	2266	2267	2268	2269	2270	2271	2272	2273	2274	2275	2276	2277	2278	2279	2280	2281	2282	2283	2284	2285	2286	2287	2288	2289	2290	2291	2292	2293	2294	2295	2296	2297	2298	2299	2300	2301	2302	2303	2304	2305	2306	2307	2308	2309	2310	2311	2312	2313	2314	2315	2316	2317	2318	2319	2320	2321	2322	2323	2324	2325	2326	2327	2328	2329	2330	2331	2332	2333	2334	2335	2336	2337	2338	2339	2340	2341	2342	2343	2344	2345	2346	2347	2348	2349	2350	2351	2352	2353	2354	2355	2356	2357	2358	2359	2360	2361	2362	2363	2364	2365	2366	2367	2368	2369	2370	2371	2372	2373	2374	2375	2376	2377	2378	2379	2380	2381	2382	2383	2384	2385	2386	2387	2388	2389	2390	2391	2392	2393	2394	2395	2396	2397	2398	2399	2400	2401	2402	2403	2404	2405	2406	2407	2408	2409	2410	2411	2412	2413	2414	2415	2416	2417	2418	2419	2420	2421	2422	2423	2424	2425	2426	2427	2428	2429	2430	2431	2432	2
--	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	---

<400> 37

gaggtgaagc ttctcgagtc tggaggt

27

<210> 38

<211> 27

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> synthetic oligonucleotide

<400> 38

gaagtgaagc tcgaggagtc tggggga

27

<210> 39

<211> 27

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> synthetic oligonucleotide

<400> 39

gaggttcagc tcgagcagtc tggagct

27

<210> 40

<211> 34

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

[illegible]

<220>

<223> synthetic oligonucleotide

<400> 40

tgaggagacg gtgaccgtgg tcccttggcc ccag

34

<210> 41

<211> 32

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> synthetic oligonucleotide

<400> 41

ccagttccga gctcgttggtg actcaggaat ct

32

<210> 42

<211> 32

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> synthetic oligonucleotide

<400> 42

ccagttccga gctcgttggtg acgcagccgc cc

32

<210> 43

006707 3445500

ccagatgtga gctcgtgatg acccagactc ca

31

<210> 46

<211> 32

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> synthetic oligonucleotide

<400> 46

ccagatgtga gctcgtcatg acccagtctc ca

32

<210> 47

<211> 32

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> synthetic oligonucleotide

<400> 47

ccagttccga gctcgtgatg acacagtctc ca

32

<210> 48

<211> 39

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> synthetic oligonucleotide

<400> 48

tggtgcacta gtcgtacgtt tgatctcaag cttggtccc

39

<210> 49

<211> 67

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> synthetic oligonucleotide

<400> 49

ctagaattct tcgaatccgg aggtggtgga tccgatatcc ccgggcatca tcaccatcat 60
cattgag 67

67

<210> 50

<211> 42

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

$\langle 220 \rangle$

<223> synthetic oligonucleotide

<400> 50

ccggagggtgg tggttccggg ggtggagggtt caggcgggtgg tg

42

<210> 51

<211> 42

[illegible]

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> synthetic oligonucleotide

<400> 51

gatccaccac cgctgaacc tccacccccg gaaccaccac ct

42

<210> 52

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> peptide encoded by synthetic oligonucleotide

<400> 52

Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly

1

5

10

<210> 53

<211> 381

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 53

gaggtgcagc tgctcgagtc tgggggaggc gtggtccagc ctgggaggtc cctgagactc 60

tcctgtgcag cctctggatt caccttcagt agctatggca tgcactgggt ccgccaggct 120

85 90 95

22/48

110

125

<213> Homo sapiens

```
gagctccaga tgaccagtc tccatcctcc ctgtctgctt ctgtgggaga cagagtcacc 60
atcacttgtc ggacaagtca gagcattagc agctatttaa attggtatca gcagaaacca 120
ggacagcctc ctaagctgct catttactgg gcatctaccc gggaaatccgg ggtccctgac 180
cgattcagtg gcagcgggtc tgggacagat ttcactctca ccatcagcag tctacaacct 240
gaagattctg caacttacta ctgtcagcag agttacgaca tcccgtaacac ttttggccag 300
gggaccaage tggagatcaa a 321
```

<213> Homo sapiens

15

23/48

Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg Thr Ser Gln Ser Ile Ser Ser Tyr

30

Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Pro Pro Lys Leu Leu Ile

45

Tyr Trp Ala Ser Thr Arg Glu Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly

60

Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro

80

Glu Asp Ser Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Ser Tyr Asp Ile Pro Tyr

95

Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys

105

<210> 57

<211> 201

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

$\langle 220 \rangle$

<223> synthetic oligonucleotide

<400> 57

ccgctctaga attccaccat gggatggagc tgtatcatcc tcttcttggt agcaacagct 60

24/48

acagggtgtcc actccgacta caaagatgat gacgataagg atatctccgg aggtggtggt 120
agcgctattc catatggacg tcccgcgcga ggtcgtccat catcaccatc atcactgagc 180
ggccgctcta gagtcgacct c 201

<210> 58

<211> 525

<212> DNA

<213> M13-Phage and artificial sequence of the MCS

<220>

<223> DNA-sequence of the N2-domain and the MCS

<400> 58

gagctgcagc tggtcgacac taaacctcct gagtacggtg atacacctat tccgggctat 60
acttatatca accctctcga cggcacttat ccgcctggta ctgagcaaaa ccccgctaata 120
cctaatacctt ctcttgagga gtctcagcct cttaataactt tcatgtttca gaataatagg 180
ttccgaaata ggcagggggc attaactggt tatacgggca ctgttactca aggcactgac 240
cccgttaaaaa cttattacca gtacactcct gtatcatcaa aagccatgta tgacgcttac 300
tggaacggta aattcagaga ctgcgcttcc cattctggct ttaatgagga tccattcggt 360
tgtgaatata aaggccaatc gtctgacctg cctcaacctc ctgtcaatgc ttccggaggt 420
ggtggatccg aggtgcagct gctcgagccc ggtcaccgtc tcttcaggtg gtggtggttc 480
tggcggcggc ggctccggtg gtggtggttc tgagctcggg actagt 526

<210> 59

<211> 137

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> protein sequence M13 protein III and N2-domain

Thr Lys Pro Pro Glu Tyr Gly Asp Thr Pro Ile Pro Gly Tyr Thr Tyr

1 5 10 15

Ile Asn Pro Leu Asp Gly Thr Tyr Pro Pro Gly Thr Glu Gln Asn Pro

20 25 30

Ala Asn Pro Asn Pro Ser Leu Glu Glu Ser Gln Pro Leu Asn Thr Phe

35 40 45

Met Phe Gln Asn Asn Arg Phe Arg Asn Arg Gln Gly Ala Leu Thr Val

50 55 60

Tyr Thr Gly Thr Val Thr Gln Gly Thr Asp Pro Val Lys Thr Tyr Tyr

65 70 75 80

Gln Tyr Thr Pro Val Ser Ser Lys Ala Met Tyr Asp Ala Tyr Trp Asn

85 90 95

Gly Lys Phe Arg Asp Cys Ala Phe His Ser Gly Phe Asn Glu Asp Pro

100 105 110

Phe Val Cys Glu Tyr Gln Gly Gln Ser Ser Asp Leu Pro Gln Pro Pro

115 120 125

Val Asn Ala Ser Gly Gly Gly Gly Ser

130 135

<210> 60

<211> 726

<212> DNA

<213> Mus sp.

<400> 60

gaggtgcagc	tgctcgagca	gtctggagct	gagctggtga	aacctggggc	ctcagtgaag	60
atatcctgca	aggcttctgg	atacgcttc	actaactact	ggctaggttg	ggtaaagcag	120
aggcctggac	atggacttga	gtggattgga	gatcttttcc	ctggaagtgg	taatactcac	180
tacaatgaga	ggttcagggg	caaagccaca	ctgactgcag	acaaatcctc	gagcacagcc	240
tttatgcagc	tcagtagcct	gacatctgag	gactctgctg	tctatttctg	tgcaagattg	300
aggaactggg	acgaggctat	ggactactgg	ggccaaggga	ccacggtcac	cgtctcctca	360
ggtggtggtg	gttctggcgg	cggcggctcc	ggtggtggtg	gttctgagct	cgtcatgacc	420
cagtctccat	cttatcttgc	tgcattctct	ggagaaacca	ttactattaa	ttgcagggca	480
agtaagagca	ttagcaaata	tttagcctgg	tatcaagaga	aacctgggaa	aactaataag	540
cttcttatct	actctggatc	cactttgcaa	tctggaattc	catcaagggt	cagtggcagt	600
ggatctggta	cagatttcac	tctcaccatc	agtagcctgg	agcctgaaga	ttttgcaatg	660
tattactgtc	aacagcataa	tgaatatccg	tacacgttcg	gagggggggac	caagcttgag	720
atcaaa						726

<210> 61

<211> 242

<212> PRT

<213> Mus sp.

<400> 61

Glu Val Gln Leu Leu Glu Gln Ser Gly Ala Glu Leu Val Lys Pro Gly

1

5

10

15

[illegible]

Ser Lys Ser Ile Ser Lys Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Glu Lys Pro Gly
165 170 175

28/48

Lys Thr Asn Lys Leu Leu Ile Tyr Ser Gly Ser Thr Leu Gln Ser Gly

180

185

190

Ile Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu

195

200

205

Thr Ile Ser Ser Leu Glu Pro Glu Asp Phe Ala Met Tyr Tyr Cys Gln

210

215

220

Gln His Asn Glu Tyr Pro Tyr Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Glu

225

230

235

240

Ile Lys

<210> 62

<211> 753

<212> DNA

<213> Mus sp.

<400> 62

gaggtgcagc tgctcgagca gtctggagct gagctggtaa ggcctgggac ttcagtgaag 60
ctgtcctgca aggcttcttg ctacaccttc acaagctatg gtttaagctg ggtgaagcag 120
agaactggac agggccttga gtggattgga gaggtttatc ctagaattgg taatgcttac 180
tacaatgaga agttcaaggg caaggccaca ctgactgcag acaaatcctc cagcacagcg 240
tccatggagc tccgcagcct gacatctgag gactctgcgg tctatttctg tgcaagacgg 300
ggatcctacg gtagtaacta cgactggtac ttcgatgtct ggggccaaagg gaccacgggtc 360
accgtctcct caggtggtgg tggttctggc ggcggcggct ccggtggtgg tggttctgag 420

29/48

```
ctcgtgatga cccagactcc actctccctg cctgtcagtc ttggagatca agcctccatc 480
tcttgtagat ctagtcagag ccttgtagac agtaatggaa acacctattt acattggtac 540
ctgcagaagc caggccagtc tccaaagctc ctgatctaca aagtttccaa ccgattttct 600
ggggtcccag acaggttcag tggcagtgga tcagggacag atttcacact caagatcagc 660
agagtggagg ctgaggatct gggagtttat ttctgctctc aaagtacaca tgttccgtac 720
acgttcggag gggggaccaa gcttgagatc aaa 753
```

<211> 251

<213> Mus sp.

<400> 63

Glu Val Gln Leu Leu Glu Gln Ser Gly Ala Glu Leu Val Arg Pro Gly

1 5 10 15

Thr Ser Val Lys Leu Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser

20 25 30

Tyr Gly Leu Ser Trp Val Lys Gln Arg Thr Gly Gln Gly Leu Glu Trp

35 40 45

Ile Gly Glu Val Tyr Pro Arg Ile Gly Asn Ala Tyr Tyr Asn Glu Lys

50 55 60

Phe Lys Gly Lys Ala Thr Leu Thr Ala Asp Lys Ser Ser Ser Thr Ala

65 70 75 80

Ser Met Glu Leu Arg Ser Leu Thr Ser Glu Asp Ser Ala Val Tyr Phe

30/48

85

90

95

Cys Ala Arg Arg Gly Ser Tyr Gly Ser Asn Tyr Asp Trp Tyr Phe Asp

100

105

110

Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly

115

120

125

Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Leu Val Met Thr

130

135

140

Gln Thr Pro Leu Ser Leu Pro Val Ser Leu Gly Asp Gln Ala Ser Ile

145

150

155

160

Ser Cys Arg Ser Ser Gln Ser Leu Val His Ser Asn Gly Asn Thr Tyr

165

170

175

Leu His Trp Tyr Leu Gln Lys Pro Gly Gln Ser Pro Lys Leu Leu Ile

180

185

190

Tyr Lys Val Ser Asn Arg Phe Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly

195

200

205

Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Lys Ile Ser Arg Val Glu Ala

210

215

220

Glu Asp Leu Gly Val Tyr Phe Cys Ser Gln Ser Thr His Val Pro Tyr

225

230

235

240

Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys

31/48

245

250

<210> 64

<211> 726

<212> DNA

<213> Mus sp.

<400> 64

gagggtgcagc tgctcgagca gtctggagct gcgctggtaa ggcttgggac ttcagtgaag 60
atattctgca aggtctcttg atacgccttc actaactact ggctaggttg ggtaaagcag 120
aggcctggac atggacttga gtggattgga gatatttacc ctggaagtgg taatactcac 180
tacaatgaga gggttcagggg caaagccaca ctgactgcag acaaatcctc gagcacagcc 240
tttatgcagc tcagtagcct gacatctgag gactctgctg tctatttctg tgcaagattg 300
aggaactggg acgagcctat ggactactgg ggccaaggga ccacgggcac cgtctcctca 360
ggtggtggtg gttctggcgg cggcggctcc ggtggtggtg gttctgagct ccagatgacc 420
cagtctccat cttatcttgc tgcattctct ggagaaacca ttactattaa ttgcagggca 480
agtaagagca ttagcaaata ttagcctgg tatcaagaga aacctgggaa aactaataag 540
cttcttatct actctggatc cactttgcaa tctggaattc catcaagggt cagtggcagt 600
ggatctggta cagatttcac tctcaccatc agtagcctgg agcctgaaga ttttgcaatg 660
tattactgtc aacagcataa tgaatacccg tacacgttcg gaggggggac caagcttgag 720
atcaaa 726

<210> 65

<211> 242

<212> PRT

<213> Mus sp.

<400> 65

32/48

Glu Val Gln Leu Leu Glu Gln Ser Gly Ala Ala Leu Val Arg Pro Gly

1 5 10 15

Thr Ser Val Lys Ile Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Ala Phe Thr Asn

20 25 30

Tyr Trp Leu Gly Trp Val Lys Gln Arg Pro Gly His Gly Leu Glu Trp

35 40 45

Ile Gly Asp Ile Tyr Pro Gly Ser Gly Asn Thr His Tyr Asn Glu Arg

50 55 60

Phe Arg Gly Lys Ala Thr Leu Thr Ala Asp Lys Ser Ser Ser Thr Ala

65 70 75 80

Phe Met Gln Leu Ser Ser Leu Thr Ser Glu Asp Ser Ala Val Tyr Phe

85 90 95

Cys Ala Arg Leu Arg Asn Trp Asp Glu Pro Met Asp Tyr Trp Gly Gln

100 105 110

Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly

115 120 125

Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Leu Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser

130 135 140

Tyr Leu Ala Ala Ser Pro Gly Glu Thr Ile Thr Ile Asn Cys Arg Ala

145 150 155 160

[illegible]

33/48

175

190

205

220

240

gaggtgcagc tgctcgagca gtctggagct gagctggtaa ggctgggac ttcagtgaag 60
atatcctgca aggcttcttg atacgccttc actaactact ggctaggttg ggttaagcag 120
aggcctggac atggacttga atggggttga gatattttcc ctggaagtgg taatgctcac 180
tacaatgaga agttcaaggg caaagccaca ctgactgcag acaagtcttc gtacacagcc 240
tatatgcagc tcagtgcct gacatctgag gactctgctg tctattttctg tgcaagattg 300

[illegible]

65 70 75 80

Tyr Met Gln Leu Ser Ser Leu Thr Ser Glu Asp Ser Ala Val Tyr Phe

85

90

95

Cys Ala Arg Leu Arg Asn Trp Asp Glu Ala Met Asp Tyr Trp Gly Gln

100

105

110

Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly

115

120

125

Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Leu Val Met Thr Gln Ser Pro Ser

130

135

140

Ser Leu Ser Val Ser Ala Gly Glu Lys Val Thr Met Ser Cys Lys Ser

145

150

155

160

Ser Gln Ser Leu Leu Asn Ser Gly Asn Gln Lys Asn Tyr Leu Ala Trp

165

170

175

Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Pro Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Gly Ala

180

185

190

Ser Thr Arg Glu Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Thr Gly Ser Gly Ser

195

200

205

Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Val Gln Ala Glu Asp Leu

210

215

220

Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Asn Asp Tyr Ser Tyr Pro Tyr Thr Phe Gly

225

230

235

240

Figure 1 is a schematic representation of the experimental design. It shows a sequence of events: Pretest, Training, and Transfer. Each phase includes a Pretest and a Posttest measurement. The Transfer phase is divided into Transfer and Posttest sub-phases. The Posttest phase is further divided into Posttest and Posttest sub-phases. The Posttest phase is further divided into Posttest and Posttest sub-phases.

Gly Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys

245

<210> 68

<211> 726

<212> DNA

<213> Mus sp.

<400> 69

gaggtgcagc tgctcgagca gtctggagct gagctgggtga ggcctggggc ttcagtgaag 60
atatcctgca aggccttctgg atacgccttc aataactact ggctagggttg ggtaaagcag 120
aggcctggac atggacttga gtggattgga gacatttacc ctggaagtgg aaatactcac 180
tacaatgaga gggttcagggg caaagccaca ctgactgcag acaaatcctc gagcacagcc 240
tttatgcagt taagtagcct gacatctgag gactctgctg tctatctctg tgcaagattg 300
aggaactggg acgaggctat ggactactgg ggccaaggga ccaacggtcac cgtctcctca 360
ggtgggtggtg gttctggcgg cggcggctcc ggtgggtggtg gttctgagct cgtcatgacc 420
cagtctccat cttatcttgc tgcattctct ggagaaacca ttactattaa ttgcagggca 480
agtaagagca ttagcaaata tttagcctgg tatcaagaga aacctgggaa aactaataag 540
cttcttatct actctggatc cactttgcaa tctggaattc catcaagggtt cagtggcagt 600
ggatctggta cagatttcac tctcaccatc agtagcctgg agcctgaaga ttttgcaatg 660
tattactgtc aacagcataa tgaatacccg tacacgttcg gaggggggac caagcttgag 720
atcaaa 726

<210> 69

<211> 242

<212> PRT

<213> Mus sp.

37/48

<400> 69

1 5 10 15

20 25 30

35 40 45

50 55 60

65 70 75 80

85 90 95

100 105 110

115 120 125

130 135 140

145 150 155 160

[illegible]

Ser Lys Ser Ile Ser Lys Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Glu Lys Pro Gly
165 170 175

Lys Thr Asn Lys Leu Leu Ile Tyr Ser Gly Ser Thr Leu Gln Ser Gly
180 185 190

Ile Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu
195 200 205

Thr Ile Ser Ser Leu Glu Pro Glu Asp Phe Ala Met Tyr Tyr Cys Gln
210 215 220

Gln His Asn Glu Tyr Pro Tyr Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Glu
225 230 235 240

Ile Lys

<210> 70

<211> 753

<212> DNA

<213> Mus sp.

<400> 70

gaggtgcagc tgctcgagca gtctggagct gagctggcga ggcctggggc ttcagtgaag 60
ctgtcctgca aggccttctg ctacaccttc acaaactatg gtttaagctg ggtgaagcag 120
aggcctggac aggtccttga gtggattgga gaggtttatc ctagaattgg taatgcttac 180

39/48

tacaatgaga agttcaaggg caaggccaca ctgactgcag acaaatcctc cagcacagcg 240
 tccatggagc tccgcagcct gacctctgag gactctgcgg tctatttctg tgcaagacgg 300
 ggatcctacg atactaacta cgactgggtac ttcgatgtct ggggccaagg gaccacggtc 360
 accgtctcct caggtggtgg tggttctggc ggcggcggct ccggtggtgg tggttctgag 420
 ctctgatga cccagactcc actctccctg cctgtcagtc ttggagatca agcctccatc 480
 tcttgagat ctagtcagag ccttgtagac agtaatggaa acacctattt acattggtac 540
 ctgcagaagc caggccagtc tccaaagctc ctgatctaca aagtttccaa ccgattttct 600
 ggggtcccag acaggttcag tggcagtgga tcagggacag atttcacact caagatcagc 660
 agagtggagg ctgaggatct gggagtttat ttctgctctc aaagtacaca tgttccgtac 720
 acgttcggag gggggaccaa gcttgagatc aaa 753

<210> 71

<211> 251

<212> PRT

<213> Mus sp.

<400> 71

Glu Val Gln Leu Leu Glu Gln Ser Gly Ala Glu Leu Ala Arg Pro Gly

1

5

10

15

Ala Ser Val Lys Leu Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn

20

25

30

Tyr Gly Leu Ser Trp Val Lys Gln Arg Pro Gly Gln Val Leu Glu Trp

35

40

45

Ile Gly Glu Val Tyr Pro Arg Ile Gly Asn Ala Tyr Tyr Asn Glu Lys

50

55

60

Phe Lys Gly Lys Ala Thr Leu Thr Ala Asp Lys Ser Ser Ser Thr Ala

Sequence 1000

1

70

75

80

—

85

90

95

100

105

110

115

120

125

130

135

140

145

150

155

160

165

170

175

180

185

190

—

195

200

205

210

215

220

41/48

Glu Asp Leu Gly Val Tyr Phe Cys Ser Gln Ser Thr His Val Pro Tyr

225

230

235

240

Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys

245

250

<210> 72

<211> 717

<212> DNA

<213> Mus sp.

<400> 72

gaggtgcagc tgctcgagtc tggaggtggc ctggtgcagc ctggaggatc cctgaaactc 60
tcctgtgcag cctcaggatt cgattttagt agatactgga tgagttgggt ccggcaggct 120
ccagggaaag ggctagaatg gattggagaa attaatccag atagcagtac gataaactat 180
acgccatctc tgaaggataa attcatcatc tccagagaca acgccaaaaa tacgctgtac 240
ctgcaaatgg gcaaagtgag atctgaggac acagcccttt attactgtgc aagaggagcc 300
ttcctttttg actactgggg ccaagggacc acggtcaccg tctcctcagg tgggtggtggt 360
tctggcggcg gcggtcccg tgggtggtggt tctgagctcg tgctcaccca gtctccaacc 420
accatggtg catctcccgg ggagaagatc actatcacct gcagtgccag ctcaagtata 480
agttccaatt acttgattg gtatcagcag aagccaggat tctcccctaa actcttgatt 540
tataggacat ccaatctggc ttctggagtc ccagctcgct tcagtggcag tgggtctggg 600
acctcttact ctctcacaat tggcaccatg gaggctgaag atgttgccac ttactactgc 660
cagcagggta gtagtatacc actcacgttc ggtgctggga ccaagcttga gatcaaa 717

<210> 73

<211> 239

<212> PRT

<213> Mus sp.

42/48

<400> 73

[illegible]

43/48

210 215 220
Ser Ile Pro Leu Thr Phe Gly Ala Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys
225 230 235

<210> 74

<211> 744

<212> DNA

<213> Mus sp.

<400> 74

gaggtgcagc tgctcgagca gtctggagct gagctggtaa ggctgggac ttcagtgaag 60
atatcctgca aggccttctgg atacgccttc actaactact ggctaggttg ggtaaagcag 120
aggcctggac atggacttga gtggattgga gatattttcc ctggaagtgg taatatccac 180
tacaatgaga agttcaaggg caaagccaca ctgactgcag acaaattcttc gagcacagcc 240
tatatgcagc tcagtagcct gacatttgag gactctgctg tctattttctg tgcaagactg 300
aggaactggg acgagcctat ggactactgg ggccaaggga ccacggtcac cgtctcctca 360
ggtggtggtg gttctggcgg cggcggctcc ggtggtggtg gttctgagct cgtgatgaca 420
cagtctccat cctccctgac tgtgacagca ggagagaagg tcactatgag ctgcaagtcc 480
agtcagagtc tgtaaacag tggaaatcaa aagaactact tgacctggta ccagcagaaa 540
ccagggcagc ctctaaact gttgatctac tgggcatcca ctagggaatc tggggtccct 600
gatcgcttca caggcagtgg atctggaaca gatttcactc tcaccatcag cagtgtgcag 660
gctgaagacc tggcagttta ttactgtcag aatgattata gttatccgct cacgttcggt 720
gctgggacca agcttgagat caaa 744

<210> 75

<211> 248

<212> PRT

<213> Mus sp.

<400> 75

Country	Year	Population (millions)		GDP (billions of US\$)		GDP per capita (US\$)		Life expectancy (years)		Fertility rate (children per woman)		Infant mortality rate (per 1,000 live births)		HIV prevalence (%)		HIV deaths (thousands)		HIV risk (high/low)		
		1990	2000	1990	2000	1990	2000	1990	2000	1990	2000	1990	2000	1990	2000	1990	2000	1990	2000	
Algeria	1990	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0
Algeria	2000	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0
Algeria	2005	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0
Algeria	2010	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0
Algeria	2015	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0
Algeria	2020	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0
Algeria	2025	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0
Algeria	2030	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0
Algeria	2035	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0
Algeria	2040	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0
Algeria	2045	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0
Algeria	2050	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0
Algeria	2055	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0
Algeria	2060	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0
Algeria	2065	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0
Algeria	2070	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0
Algeria	2075	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0	10.0
Algeria	2080	10.0	10.0	10.0																

Ser Leu Thr Val Thr Ala Gly Glu Lys Val Thr Met Ser Cys Lys Ser
145 150 155 160

gaggtgcagc tgctcgagca gtctggagct gagctggtaa ggctgggac ttcagtgaag 60
atatacctgca aggcttcttg atacgccttc actaactact ggctaggttg ggttaagcag 120
aggcctggac atggacttga atgggttgga gatattttcc ctggaagtgg taatgctcac 180
tacaatgaga agttcaaggg caaagccaca ctgactgcag acaagtcctc gtacacagcc 240

<210> 77

<212> PRT

<213> Mus sp.

<400> 77

Glu Val Gln Leu Leu Glu Gln Ser Gly Ala Glu Leu Val Arg Pro Gly

1 5 10 15

Thr Ser Val Lys Ile Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Ala Phe Thr Asn

20 25 30

Tyr Trp Leu Gly Trp Val Lys Gln Arg Pro Gly His Gly Leu Glu Trp

35 40 45

Val Gly Asp Ile Phe Pro Gly Ser Gly Asn Ala His Tyr Asn Glu Lys

50 55 60

Phe Lys Gly Lys Ala Thr Leu Thr Ala Asp Lys Ser Ser Tyr Thr Ala

65 70 75 80

47/48

Tyr Met Gln Leu Ser Ser Leu Thr Ser Glu Asp Ser Ala Val Tyr Phe

85

90

95

Cys Ala Arg Leu Arg Asn Trp Asp Glu Ala Met Asp Tyr Trp Gly Gln

100

105

110

Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly

115

120

125

Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Leu Val Met Thr Gln Ser Pro Ser

130

135

140

Ser Leu Ala Met Ser Val Gly Gln Lys Val Thr Met Ser Cys Lys Ser

145

150

155

160

Ser Gln Ser Leu Leu Asn Ser Ser Asn Gln Lys Asn Tyr Leu Ala Trp

165

170

175

Tyr Gln Gln Lys Gln Gly Gln Pro Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Gly Ala

180

185

190

Ser Ile Arg Glu Ser Trp Val Pro Asp Arg Phe Thr Gly Ser Gly Ser

195

200

205

Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Val Lys Ala Glu Asp Leu

210

215

220

Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Tyr Ser Tyr Pro Tyr Thr Phe Gly

240

Gly Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys

245

TABLE 1		TABLE 2		TABLE 3		TABLE 4		TABLE 5		TABLE 6		TABLE 7		TABLE 8		TABLE 9		TABLE 10		TABLE 11		TABLE 12		TABLE 13		TABLE 14		TABLE 15		TABLE 16		TABLE 17		TABLE 18		TABLE 19		TABLE 20		TABLE 21		TABLE 22		TABLE 23		TABLE 24		TABLE 25		TABLE 26		TABLE 27		TABLE 28		TABLE 29		TABLE 30		TABLE 31		TABLE 32		TABLE 33		TABLE 34		TABLE 35		TABLE 36		TABLE 37		TABLE 38		TABLE 39		TABLE 40		TABLE 41		TABLE 42		TABLE 43		TABLE 44		TABLE 45		TABLE 46		TABLE 47		TABLE 48		TABLE 49		TABLE 50		TABLE 51		TABLE 52		TABLE 53		TABLE 54		TABLE 55		TABLE 56		TABLE 57		TABLE 58		TABLE 59		TABLE 60		TABLE 61		TABLE 62		TABLE 63		TABLE 64		TABLE 65		TABLE 66		TABLE 67		TABLE 68		TABLE 69		TABLE 70		TABLE 71		TABLE 72		TABLE 73		TABLE 74		TABLE 75		TABLE 76		TABLE 77		TABLE 78		TABLE 79		TABLE 80		TABLE 81		TABLE 82		TABLE 83		TABLE 84		TABLE 85		TABLE 86		TABLE 87		TABLE 88		TABLE 89		TABLE 90		TABLE 91		TABLE 92		TABLE 93		TABLE 94		TABLE 95		TABLE 96		TABLE 97		TABLE 98		TABLE 99		TABLE 100	
1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22	23	24	25	26	27	28	29	30	31	32	33	34	35	36	37	38	39	40	41	42	43	44	45	46	47	48	49	50	51	52	53	54	55	56	57	58	59	60	61	62	63	64	65	66	67	68	69	70	71	72	73	74	75	76	77	78	79	80	81	82	83	84	85	86	87	88	89	90	91	92	93	94	95	96	97	98	99	100																																																																																																				